

[illegible]

DB 732 TAAATCAACCTCTACCTTTCATCAAGATGTTGATGGCTGGAAGGCTGTCCAAAGAAATGG 791  
QY 872 GTCTCTCGCAAGGCTCCAGTGGTCAACAGCCCATGGGATATATTTAGCTACGACGAG 931  
DB 792 GTCTCTCGCAAGCTCCAAATGGTCAACAGGCGCATCAAGATGTTAGCTACGACCAAG 851  
QY 932 ATCAGACCTGTCTATTTTGTAGCTCTGCCAAATTTCTGGGAATCAACAGGTGACTA 991  
DB 852 ACTAATGCTGTCTATTTTGTGGCTCTCCCAATTTCTTGGGAATCAACAGGTGAGCTA 911  
QY 992 CCGGCGAAAGCTATCTTTTGACTACACGGTGGATAGGGGAGGAGACACCATTTGCCA 1051  
DB 912 TGGGCAAGGCTGTCTTTGACTACCGGTGTGACAGAGGAGGAGACCATCTGCCA 971  
QY 1052 TGAAGTATCTTGAAAGGTGTGATCTACCGATTCACAGCTTCTTGAATGCCACTTAGCA 1111  
DB 972 TGATGATCTCTGAAAGGTGTGATCTACCGATTCACAGCTTCTTGAATGCCACTTAGCA 1031  
QY 1112 GACATGCTCTTGAGATTCACCAAGACTTACATTCAGATTAATGAATCCAAAGAG 1171  
DB 1032 GACATGCTCTTGAGATTCACCAAGACTTACATTCAGATTAATGAATCCAAAGAG 1091  
QY 1172 TAATGGAGCCCGCAGCTAAGTACTTTGAGATCGAGGTACTCTCGGAACCTCACAGC 1231  
DB 1092 TAATGGAGCCCGCAGCTAAGTACTTTGAGATCGAGGTACTCTCGGAACCTCACAGC 1151  
QY 1232 CCTGCGATCCGAGTACCTACGAGAAATACAGTCTGGTACATTGACAAAGTGAACCTT 1291  
DB 1152 CCTGCGATCCGAGTACCTACGAGAAATACAGTCTGGTACATTGACAAAGTGAACCTT 1211  
QY 1292 GATTTACGCGCGCCGCTTCTGAGAGCCCGCAGCCCTGGGTGAAACATGTATGCC 1351  
DB 1212 GATTTACGCGCGCCGCTTCTGAGAGCCCGCAGCCCTGGGTGAAACATGTATGCC 1271  
QY 1352 TGTGGCTACAAGGGCAGTGTGCCAGATTTGGCTTCGGCTACAAAGATTCAGC 1411  
DB 1272 TGTGGCTACAAGGGCAGTGTGCCAGATTTGGCTTCGGCTACAAAGATTCAGC 1331  
QY 1412 CAGACTGGGACCTTTGGACCTGTATTCATGTAACGCCAACGGGGAGGGGCTCGCA 1471  
DB 1332 GAGACTGGGACCTTTGGACCTGTATTCATGTAACGCCAACGGGGAGGGGCTCGTA 1391  
QY 1472 TCCAGACACAGAGACTGTCTACAGGGATAGAACCTTGACATCCCTGAGTGTGCTGA 1531  
DB 1392 TCCAGACACAGAGACTGTCTACAGGGATAGAACCTTGACATCCCTGAGTGTGCTGA 1448  
QY 1532 CTGCCCCATTGGTTCTACAAAGATCCACAAGACCCCGCAGCTGGAAGCCGTGCCCTG 1591  
DB 1449 CTGCCCCATTGGTTCTACAAAGATCCACAAGACCCCGCAGCTGGAAGCCGTGCCCTG 1508  
QY 1592 TCGCAATGGGTTCAAGTGTCTCGGTATGCTGTGAGACAGAGAGGTGTGTCAATTAATG 1651  
DB 1509 TCAATAACGGGTTCAAGTGTCTCGGTATGCTGTGAGACAGAGAGGTGTGTCAATTAATG 1568  
QY 1652 CCCCCAGGGTGTCACTGTGTGCCCCGTGTGAGCTGTGTGATGAGCTATTTTGGGAGACC 1711  
DB 1569 CCCCCAGGGTGTCACTGTGTGCCCCGTGTGAGCTGTGTGATGAGCTATTTTGGGAGACC 1628  
QY 1712 CTTCGGGAAAGTGGCCCAAGTGAAGGCTTGTCAAGCCCTGTCAATGTCACCAACAAAGTGA 1771  
DB 1629 CTTCGGGAAAGTGGCCCAAGTGAAGGCTTGTCAAGCCCTGTCAATGTCACCAACAAAGTGA 1688  
QY 1772 CCCCAGTGCCTCGGGAACTGTGACCGCTTGACAGGCAAGTGTCTGAATGATCCACA 1831  
DB 1689 CCCCAGTGCCTCGGGAACTGTGACCGCTTGACAGGCAAGTGTCTGAATGATCCACA 1748  
QY 1832 CACAGCTGGGGTCACTGTGACCAAGTGAACAACAGGCTACTTGGGGACCAATGTGCTCC 1808  
DB 1749 CACAGCTGGGGTCACTGTGACCAAGTGAACAACAGGCTACTTGGGGACCAATGTGCTCC 1951  
QY 1892 CAATCAGACAGCAAGTGTGAGCTTGAACCTGCAACCCAGTGGCTCGGAGCCTGTGGA 1951

Db 1809 CAACCCAGCAGACAAAGTGTGAGCTTGCACTGTAACCCCACTGGGCTCAGAGCCTGTAGC 1868  
 QY 1952 GTGTGGAAGTATGAGCAGCTGTGTGTTGCAAGCCAGGCTTTGGTGCCCTCAGCTGTAGCA 2011  
 Db 1869 ATGTGGAAGTATGAGCAGCTGTGTGTTGCAAGCCAGGCTTTGGTGCCCTCAGCTGTAGCA 1928  
 QY 2012 TGGGGCAGTACCAAGCTGTGTGTTGTTATATCAAGTGAAGGTTCAAGTGTATCAAGTT 2071  
 Db 1929 TGGAGCACTT--CAGCTGTGTGTTGTTATATCAAGTGAAGTGAAGTGTATCAAGTT 1985  
 QY 2072 TATGACAGAGCTCAGATCCCTGAGAGCCCTGATTTGCAAGGCTCAGAGG-----TGAGC 2125  
 Db 1986 TATGACAGAGCTTCAAGATGAGAGCCCTGATTTCAAGGCTCAGAGGCTGTATGAGT 2045  
 QY 2126 AGTACCAAGCAGAGCTGGAAGGCAAGATGCAAGAGCTGAGAGGCTTCCGAGCAT 2185  
 Db 2046 AGTACCTGATACAGAGCTGGAAGGCAAGATGCAAGAGCTGAGAGGCTTCCGAGCAT 2105  
 QY 2186 TCTGAGAGAGCCCAAGATTTTCAAGATGCTGTATGATCTTCAATCTCCGGGTGAGCAA 2245  
 Db 2106 TCTGAGAGATGCCCAAGATTTTCAAGAGGTGTAGCAGATCCCTTGGTCTCCAGTTGGCCAA 2165  
 QY 2246 GGCAAGAGCTCAAGAGATAGCTTACCGGAGCCGCTGTATGATCTTCAAGATGATGTGGA 2305  
 Db 2166 GTTGAAGAGCCCAAGAGATAGCTTACCGGAGCCGCTGTATGATCTTCAAGATGATGTGGA 2225  
 QY 2306 AAGAGTTCGGGCTCTGGGAGTGTATGATGCAAGCCAGATTCAGAGTCTGCGAGGCTCAT 2365  
 Db 2226 AAGAGTTCGGGCTCTGGGAGTGTATGATGCAAGCCAGATTCAGAGTCTGCGAGGCTCAT 2285  
 QY 2366 CACTCAGATGCGCTGAGCTGTGAGAGAAAGTGAAGGCTTCCCTGCAAAACCAACATTTCC 2425  
 Db 2286 CACTCAGATGAGCTGTAGCTGTGGCAGAAAGTGAAGTCTTCTTGGGAAACCACTAACATTTCC 2345  
 QY 2426 TCTCTCAGAGACTAAGCTGTGGGCAAAATGCTTTTAAAGTGTGCTCAGAGGCTCAGAG 2485  
 Db 2346 TGTCTCAGAGACTAAGCTGTGGGCAAAATGCTTTTAAAGTGTGCTCAGAGGCTCAGAG 2405  
 QY 2486 ATTGCGAGCAGGCAATGTGATGAGCAGGATGATGAGGCAATGAGCAATGAGCAAGAAACCA 2545  
 Db 2406 ATTGCGAGGAAAGCACTTATGATGAGCAGGATGATGAGGCAATGAGCAAGGAAACCTGA 2465  
 QY 2546 GAGATATTCGAAAGCTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2599  
 Db 2466 GAGATATTCGAAAGCTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2525  
 QY 2600 CGGAAAGGCGAGCTGTGAGCGAGGCTGTGTGCAAAAGCTTGTGGAATAATTGCAAAAC 2659  
 Db 2526 CGGAAAGGCGAGCTGTGAGCGAGGCTGTGTGCAAAAGCTTGTGGAATAATTGCAAAAC 2585  
 QY 2660 TAAATCTGTGAGCCAGAGATGATGAGGAGGCGCAAGCAAAACGATGAGAGAGAGTAG 2719  
 Db 2586 CAAATCTGTGAGCCAGAGATGATGAGGAGGCGCAAGCAAAACGATGAGAGAGAGTAG 2645  
 QY 2720 GTCTTATCAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2779  
 Db 2646 GTCTTATCAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2705  
 QY 2780 TCACTCTGTGAGT--AAGAGCAAGAGGCTCAGCAAAAGCTGATTTCTCTCAAA 2836  
 Db 2706 TCACTCTGTGAGT--AAGAGCAAGAGGCTCAGCAAAAGCTGATTTCTCTCAAA 2765  
 QY 2837 CCGTGTGAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2886  
 Db 2766 CCGTGTGAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2825  
 QY 2897 AGAAGAAACCCGAGCTCTTACAGATGAGAAAGATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 2956  
 Db 2826 AGAAGAAACCCGAGCTCTTACAGATGAGAAAGATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 2885  
 QY 2957 GCTTTCCGCTGCACTTGTCTAAAGCAGAGCCCAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 3016  
 Db 2886 GCTTTCCGCTGCACTTGTCTAAAGCAGAGCCCAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 2945

QY 3017 CACTTTTATGAGTGTAGAGACATCTTAAAGATCTCAGAGAGTGTGACCTGAGAGTTGG 3076  
 Db 2946 CACTTTTATGAGTGTAGAGACATCTTAAAGATCTCAGAGAGTGTGACCTGAGAGTTGG 3005  
 QY 3077 AGATTAAGAGCAGAGCTTAAGAGGCTGATGAAGAGCTTCTCAATCAGCCAGAAAGT 3136  
 Db 3006 CAAAGAGAAAGCAGAGCTTAAGAGGCTGATGAAGAGCTTCTCAATCAGCCAGAAAGT 3065  
 QY 3137 TGCAGGTCAGAGTGAAGAGCAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 3196  
 Db 3066 TGCAGGTCAGAGTGAAGAGCAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 3125  
 QY 3197 CGCCAGAGAGGCAAGAGATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 3256  
 Db 3126 TGCAGAGAGAGGCAAGAGATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 3185  
 QY 3257 GAGATGAGAGGCTGAGAGCTTGAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 3316  
 Db 3186 GAGATGAGAGGCTGAGAGCTTGAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 3245  
 QY 3317 GAGAGAGAGGCTGAGAGCTTGAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 3376  
 Db 3246 GAGAGAGAGGCTGAGAGCTTGAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 3305  
 QY 3377 GAGAGAGAGGCTTGAAG 3436  
 Db 3306 GAGAGAGAGGCTTGAAG 3365  
 QY 3437 AGTTGAAACAGAGCAG 3496  
 Db 3366 GATTGATACAGAGCAG 3425  
 QY 3497 TGGCATCTTACACTTAATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 3556  
 Db 3426 CGGCTCTCTGAGATGAG 3485  
 QY 3557 GAGAGAGAGGCTTTCGAG 3616  
 Db 3486 GAGAGAGAGGCTTTCGAG 3545  
 QY 3617 AGAGCTGGAAG 3676  
 Db 3546 AGAGCTGGAAG 3605  
 QY 3677 AGATGAGATCTGCTGATGATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 3736  
 Db 3606 AGATGAGATCTGCTGATGATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 3665  
 QY 3737 CTGCTCAATACAG 3796  
 Db 3666 CTGCTCAATACAG 3725  
 QY 3797 GATTCTTGGGATCAG 3837  
 Db 3726 GATTCTTGGGATCAG 3766

RESULT 3  
 HSLMB2T  
 LOCUS H.sapiens mRNA for laminin. 5200 bp mRNA linear PRI 27-MAR-1996  
 DEFINITION  
 ACCESSION Z15008.1 GI:34229  
 VERSION Z15008.1 GI:34229  
 KEYWORDS  
 SOURCE  
 ORGANISM  
 Homo sapiens.  
 Eukaryota; Metazoa; Chordata; Vertebrata; Euteleostomi;  
 Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Homnidae; Homo.  
 1 (bases 1 to 5200)  
 Kallunki, P., Salino, K., Eddy, R., Byers, M., Kallunki, T., Sariola, H.,  
 Beck, K., Hiltunen, H., Shows, T. B. and Trygvaeson, K.  
 A truncated laminin chain homologous to the B2 chain: structure,